

NOUVEAU JEU DE REVENDICATIONS

1) Utilisation d'un peptide de 10 à 25 résidus d'acide aminé comprenant :

5 i) deux domaines chargés positivement à pH neutre constitué de 3 à 9 résidus d'acide aminé dont les deux tiers au moins sont des acides aminés cationiques,

10 ii) entre lesdits domaines chargés positivement, un groupe de deux à trois résidus d'acide aminé non cationique,

15 iii) à l'une et/ou l'autre des extrémités N ou C terminale du peptide, un groupe de 0 à 10 et de préférence de 0 à 5 résidus d'acide aminé choisis dans le groupe comprenant des acides aminés non hydrophobes et des acides aminés chargés positivement, mais dans le cas d'un résidu d'acide aminé chargé positivement celui-ci n'est pas directement adjacent aux domaines chargés positivement,

20 pour la préparation d'une composition pharmaceutique destinée au traitement d'une infection par des bactéries gram-négatif, composition dans laquelle ledit peptide traverse la membrane des bactéries de façon à délivrer à l'intérieur des bactéries un composé antibactérien auquel il est associé dans ladite composition.

25 2) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que dans ledit peptide (i) les acides aminés cationiques des deux domaines chargés positivement sont choisis dans le groupe comprenant l'arginine et la lysine, et en ce que (ii) les acides aminés non cationiques du groupe entre lesdits domaines chargés positivement sont des acides aminés non hydrophobes, choisis par exemple dans le groupe

comportant l'acide glutamique, la serine, la glycine, la leucine, la glutamine.

5 3) Utilisation selon l'une des revendications 1 ou 2, caractérisée en ce que le peptide est choisi dans le groupe comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO.1, SEQ ID NO.2, SEQ ID NO.3, SEQ ID NO.4, SEQ ID NO.5, SEQ ID NO.6, SEQ ID NO.7, SEQ ID NO.8, SEQ ID NO.9, SEQ ID NO.11.

10 4) Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, caractérisée en ce que le peptide est choisi dans le groupe comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO.1, SEQ ID NO.2, SEQ ID NO.3, SEQ ID NO.4, SEQ ID NO.5, SEQ ID NO.6, SEQ ID NO.7.

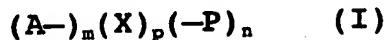
20 5) Utilisation selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisée en ce que le composé anti-bactérien est choisi parmi ceux présentant des propriétés physico-chimiques le rendant incapable de traverser la membrane des bactéries gram négatif.

25 6) Utilisation selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que le composé anti-bactérien est hydrophobe.

30 7) Utilisation selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que le composé anti-bactérien est choisi dans le groupe comprenant les composés suivants : les antibiotiques de la famille de macrolides, des ketolides comme l'erythromycine, la clarithromycine, l'azithromycine, la tétracycline.

8) Utilisation selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisée en ce que la composition pharmaceutique antibactérienne comprend l'association d'au moins un peptide comme définie dans lesdites revendications et d'au moins un composé antibactérien soit sous la forme d'un mélange, soit d'un produit dans lequel un ou plusieurs peptides identiques ou différents sont liées par covalence à un ou plusieurs composés anti-bactériens identiques ou différents, éventuellement par l'intermédiaire d'un bras espaceur.

9) Utilisation selon la revendication 8, caractérisée en ce que la composition pharmaceutique antibactérienne comprend un produit de formule (I) suivante :



dans laquelle : A est le reste d'un composé anti-bactérien, P est le reste d'une peptide, tels que définis dans les revendications précédentes, et X représente soit une liaison covalente entre A et P, soit un bras espaceur reliant au moins un reste A à au moins un reste P, m est un nombre entier pouvant aller de 1 à 3, n est un nombre entier pouvant aller de 1 à 3, et p représente zéro ou un nombre entier au plus égal au plus grand des nombres m et n.

10) Composition antibactérienne caractérisée en ce qu'elle comprend l'association d'au moins un peptide et d'au moins un composé anti-bactérien soit sous la forme d'un mélange, soit d'un produit dans lequel un ou plusieurs peptides identiques ou différents sont liées par covalence à un ou plusieurs composés anti-bactériens identiques ou différents, éventuellement par l'intermédiaire d'un bras espaceur, et en ce que

ledit peptide est choisi dans le groupe comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO.1, SEQ ID NO.2, SEQ ID NO.3, SEQ ID NO.4, SEQ ID NO.5, SEQ ID NO.6, SEQ ID NO.7, SEQ ID NO.8, SEQ ID NO.9, SEQ ID NO.11.

5

10 11) Composition antibactérienne caractérisée en ce qu'elle comprend l'association d'au moins un peptide et d'au moins un composé anti-bactérien soit sous la forme d'un mélange, soit d'un produit dans lequel un ou plusieurs peptides identiques ou différents sont liées par covalence à un ou plusieurs composés anti-bactériens identiques ou différents, éventuellement par l'intermédiaire d'un bras espaceur, et en ce que ledit peptide est choisi dans le groupe comprenant les 15 séquences suivantes : SEQ ID NO.1, SEQ ID NO.2, SEQ ID NO.3, SEQ ID NO.4, SEQ ID NO.5, SEQ ID NO.6, SEQ ID NO.7.

20 12) Un produit de formule (I) suivante :

(A-)_m(X)_p(-P)_n (I)

25 dans laquelle A, X, m, p et n sont définis comme dans la revendication 9, et P est le reste d'une peptide choisi dans le groupe comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO.1, SEQ ID NO.2, SEQ ID NO.3, SEQ ID NO.4, SEQ ID NO.5, SEQ ID NO.6, SEQ ID NO.7, SEQ ID NO.8, SEQ ID NO.9, SEQ ID NO.11.

30 13) Un produit de formule (I) suivante :

(A-)_m(X)_p(-P)_n (I)

dans laquelle A, X, m, p et n sont définis comme dans la revendication 9, et P est le reste d'une peptide choisi dans le groupe comprenant les séquences suivantes : SEQ ID NO.1, SEQ ID NO.2, SEQ ID NO.3, SEQ ID NO.4, SEQ ID NO.5, SEQ ID NO.6, SEQ ID NO.7.